

similaridades e diferenças em termos de alterações moleculares subjacentes à rejeição de transplantes de órgãos sólidos, contribuindo para o delineamento de novas hipóteses sobre potenciais biomarcadores genômicos. Unitermos: Revisão sistemática da literatura (SLR).

P1125

Características epidemiológicas no perfil de infecções por fusariose evidenciado pela técnica de Multilocus Sequence Typing (MLST)

Thais Jacobsen, Priscila Dallé da Rosa, Luciano Zubaran Goldani - HCPA

Fusariose é uma micose causada por um fungo filamentoso hialino cosmopolita que acomete tanto pacientes imunocompetentes, quanto pacientes imunodeprimidos. Atualmente existe uma preocupação em estabelecer o perfil molecular e a relação filogenética das espécies de *Fusarium* spp., bem como o perfil dos paciente acometidos, a fim de esclarecer a epidemiologia local da doença. Objetivo deste trabalho foi determinar a epidemiologia molecular de 66 isolados de *Fusarium* spp. A metodologia utilizada para identificação foi através do sequenciamento dos genes: ITS, EF1- α e RPB2. Os resultados do sequenciamento foram analisados com auxílio da ferramenta ChromasPro e consultados a partir das bases de dados do BLAST e do FUSARIUM-MLST, esse projeto de pesquisa científica foi aprovado pelo GPPG e plataforma Brasil, respeitando todos os aspectos éticos, estando sob o número do CAAE: 52251115.4.0000.5327. Em resumo, o complexo que predominou nas Fusariose foi o complexo *Fusarium solani* (FSSC), seguido pelo complexo *Fusarium oxysporum* FOSC. A espécie mais prevalente foi *Fusarium solani* para Ceratite Fúngica e Fusariose Invasiva. Conquanto, em onicomicose foi *Fusarium keratoplasticum*. Essa espécie se diferencia dos estudos de onicomicose da região sudeste do Brasil, na qual predominam espécies de *F. oxysporum*. A identificação molecular pela técnica de "Multilocus Sequence Typing" (MLST) poderá possibilitar ainda o desenvolvimento de métodos de diagnóstico, análises filogenéticas, epidemiológica e de genética de populações dos fungos da área médica. Esse tipo de pesquisa é fundamental para o conhecimento epidemiológico local da doença, assim como a caracterização do perfil de sensibilidade desse fungo, dessa maneira foi definido as espécies mais prevalentes nas Fusariose dos casos de Ceratite, Onicomicose e Doença Fúngica Disseminada. Unitermos: Complexo fusarium; Epidemiologia molecular; Fusariose.

P1145

Diversidade bacteriana em fígado de ratos após hepatectomia de 90% tratados por terapia celular

Marina Hentschke Lopes, Graziella Rodrigues, Tiago Falcon, Martiela Freitas, Paola Barcelos Carneiro, Ursula Matte - HCPA

Introdução: A hepatectomia de 90% é um modelo de insuficiência hepática aguda (HP90%) que aumenta a translocação bacteriana. Objetivo: Avaliar a diversidade bacteriana no fígado de animais com HP90% submetidos a tratamentos com terapia celular. Materiais e métodos: Cápsulas de alginato de sódio contendo medula óssea total (MOT), plaquetas (PLT) ou cápsulas vazias (CV) foram implantadas no peritônio de ratos submetidos à HP90%. Os animais foram eutanasiados após 1 e 3 horas. Os fígados foram coletados e armazenados a -80°C para extração do DNA bacteriano seguida de amplificação, com primers para a região V4 do gene 16S e sequenciamento de nova geração. Foi realizada análise multivariada permutacional (PERMANOVA). Este estudo foi aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais em Pesquisa do HCPA, sob número 14-0560. Resultados: As análises globais de diversidade (alfa e beta) não indicam variação quali-quantitativa entre os grupos. Os filos mais representados foram Proteobacteria, Firmicutes e Bacteroidetes, sendo que Firmicutes e Proteobacteria apresentaram correlação negativa ($R \cong -1$). A PERMANOVA sugere que os centróides dos grupos não variam significativamente nos níveis de Filo, Ordem, Família e Gênero, indicando pouca ou nenhuma variação entre os tratamentos nestes níveis taxonômicos. Já no nível de Classe, a PERMANOVA indica variação entre os centróides (diferença entre os grupos) ($P = 0.0239$, $R^2 = 0.30281$, Pseudo-F = 1.8614). O teste de homogeneidade multivariado da dispersão das amostras baseado em permutação sugere que há variação na dispersão amostral entre os grupos MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, PLT_3H no nível de Ordem ($P < 0.03$; $F = 3.6137$, 999 permutações); MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, PLT_3H e MOT_3H no nível de Família ($P < 0.03$; $F = 3.3815$, 999 permutações); MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, e MOT_3H no nível de Gênero ($P \leq 0.035$; $F = 4.2585$, 999 permutações) em todos os níveis taxonômicos, exceto Filo. Conclusões: Existe variação significativa na dispersão entre os diferentes tratamentos, principalmente no grupo PLT 1H e os centróides estão aproximados, indicando que variações entre os táxons pontuais podem existir. Para futuros estudos, análises nesses níveis deverão ser aprofundadas para determinar quais os táxons que variam entre os diferentes grupos, assim como as vias metabólicas enriquecidas em cada tratamento. Unitermos: Hepatectomia de 90%; Diversidade bacteriana; Terapia celular.

P1179

Pré-tratamento com ceftriaxona modula o metabolismo energético cerebral em ratos submetidos a um modelo experimental de isquemia focal permanente

Rodrigo Vieira Apel, Yasmine Nonose, Andressa Wigner Brochier, Jussemara Souza da Silva, Roberto Farina de Almeida, Fernanda Urruth Fontella, Diogo Onofre Gomes de Souza, Adriano Martimbianco de Assis - UFRGS

A isquemia cerebral é uma das maiores causas de morte e deficiência adquirida em adultos. Estudos recentes demonstram que a ceftriaxona (CTX), um antibiótico beta lactâmico, pode induzir tolerância à isquemia por aumentar a expressão de transportador de glutamato (GLT-1). Entretanto, nenhum estudo avaliou as alterações metabólicas decorrentes da modulação do transporte de glutamato por CTX após a indução de evento isquêmico. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar as alterações decorrentes do pré-tratamento com CTX em ratos submetidos à isquemia focal permanente (FPI), com enfoque no metabolismo energético. Foram utilizados ratos Wistar machos de 90 dias divididos em quatro grupos: sham salina (SS), sham CTX (SCTX), isquemia salina (IS), e isquemia CTX (ICTX). Os animais do grupo pré-tratado receberam CTX (400mg/kg) por cinco dias previamente à FPI, enquanto outros receberam apenas veículo (salina). A FPI foi realizada por termocoagulação dos vasos piais dos córtices motor e sensoriomotor, enquanto nos animais sham era realizada somente craniotomia em equipamento estereotáxico. Dois dias após a indução da FPI, foram analisados os seguintes parâmetros: (i) volume de infarto por coloração de TTC; (ii) imunocontéudo de GLT-1 por Western Blot; (iii) oxidação de substratos marcados radioativamente; e (iv) concentração de aminoácidos no líquor por HPLC. Observamos que o pré-tratamento com CTX reduziu o volume de infarto causado pela FPI ($P < 0,0001$). Não foi observado aumento no imunocontéudo de GLT-1, mas sua diminuição causada pela FPI foi prevenida no grupo ICTX. Quanto ao metabolismo do glutamato, pudemos notar que o pré-tratamento com CTX reduziu a taxa de oxidação desse neurotransmissor pós-FPI (ICTX), retornando aos valores basais quando comparado com o grupo não tratado (IS). O mesmo efeito foi observado com a oxidação de